



TITLE:

計画5-6 霊長類ALU配列のコンピュータ解析(V 共同利用研究 2.研究成果)

AUTHOR(S):

富田, 勝; 戸田, 好美

CITATION:

富田, 勝 ...[et al]. 計画5-6 霊長類ALU配列のコンピュータ解析(V 共同利用研究 2.研究成果). 霊長類研究所年報 1998, 28: 84-84

ISSUE DATE:

1998-11-01

URL:

<http://hdl.handle.net/2433/165140>

RIGHT:

計画5-6

霊長類 ALU 配列のコンピュータ解析

富田勝（慶大・環境情報）、戸田好美（慶大・政策・メディア）

前年度に引き続き、霊長類ゲノム特有の A l u 散在性反復配列について解析を行った。

(1) A l u 配列のメチル化状態を A l u 配列内外における C p G ヌクレオチドの保存状態から分析し、メチル化阻害タンパク質の存在確認を試みた結果、A L u 配列 5' 側の外と内側について、メチル化の結果と考えられる C p G の変化の差は進化的に新しい A l u 配列と古い配列との間に見出されなかった。少なくとも C p G の保存を配列解析する事のみによりメチル化阻害タンパク質のメチル化阻害形態について明言することができない事が判明した。

(2) A l u 配列内部において C p G ジヌクレオチドがメチル化の影響下において突然変異により他の塩基に変異する場合の傾向について、ストランドバイアスと周辺配列の影響の観点から分析した。A l u 配列内部における C p G から T p G への変異が優位な位置、C p G から C p A への変異が優位な位置の存在が明らかになったため、各標的位置の直前及び直後 10 塩基範囲における塩基パターンを網羅的に分析した。近隣配列パターンと変異傾向との相関は観察されなかったため、いずれの変異が優位であるかを決定付けるのは 10 塩基範囲における周辺配列パターンによるものではない、と考えられる。高次構造における配列の取る位置関係、及びタンパク質の構造という側面からの解析が有効と思われるためその方面での方法を今後検討する。

計画5-7

霊長類及び霊長類に感染するヘルペス

スウイルスのチミジル酸合成酵素の分子進化
錫谷達夫（旭川医大・医・細菌）

竹中 修（京都大・霊長類・遺伝子情報）

ヘルペスウイルスは脊椎動物を宿主とする DNA ウイルスで、現在まで 100 以上の種が報告されている。McGeoch らはこれらのウイルスに保存されている糖蛋白の 1 つ glycoprotein B を解析し、1) ヘルペスウイルスの 3 つの亜科は爬虫類から哺乳類が分岐するより以前に分岐していること、2) 同一の亜科に属するウイルスの分岐は宿主動物の分岐に伴って起こったことを明らかにした。

チミジル酸合成酵素 (T S) はこれまで報告された 8 種のヒトヘルペスのうちの 2 種、4 種のサルヘルペスウイルスのうちの 2 種のゲノム上にのみコードされ、各々の相同性はアミノ酸シーケンス上でおよそ 60 % であった。4 種の T S をコードするウイルスのうち、ヒトの水痘帯状疱疹ウイルスのみが α ヘルペスウイルス亜科に属し、他の 3 種は γ ヘルペス亜科であった。この結果と McGeoch らの結果から考察すると、4 種のウイルスに存在する T S 遺伝子の起源は同一の動物由来で、さらに水痘帯状疱疹ウイルスの T S は他のヘルペスウイルス由来であるとの仮説が立てられた。

ヘルペスウイルスの T S 遺伝子の起源と宿主動物の分子進化の関係を明らかにするため、現在サルを含めた哺乳動物の T S 遺伝子を解析中である。